

การประยุกต์วิธีเชิงพันธุกรรมสำหรับปัญหาการหาค่าที่เหมาะสมที่สุด Application of Genetic Algorithm for Optimisation Problems

อภิรักษ์ ชัดวิลาส^{1*}

¹อาจารย์ สาขาวิชาวิศวกรรมเครื่องกล คณะวิศวกรรมศาสตร์ มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลล้านนา
จังหวัดตาก 63000

บทคัดย่อ

วิธีเชิงพันธุกรรม (Genetic Algorithm, GA) เป็นวิธีการค้นหาคำตอบที่เหมาะสมโดยใช้หลักการคัดเลือกแบบธรรมชาติจากการจำลองแนวคิดวิวัฒนาการของสิ่งมีชีวิต ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมสรุปได้ 5 ขั้นตอน คือ ขั้นตอนการสร้างประชากรต้นแบบ กระบวนการทางพันธุกรรม การคำนวณค่าความเหมาะสม การคัดเลือก และการตรวจสอบเงื่อนไขหยุดการทำงาน ขั้นตอนดำเนินการที่สำคัญของวิธีเชิงพันธุกรรม คือ การคัดเลือกประชากร (Selection) ที่เหมาะสมที่จะอยู่รอดในรุ่นถัดไป และการตัดต่อโครโมโซม (Chromosome) ซึ่งดำเนินการโดยกระบวนการสลับสายพันธุ์ (Crossover) และกระบวนการกลายพันธุ์ (Mutation) บทความนี้ได้นำเสนอวิธีเชิงพันธุกรรมในการประยุกต์ใช้กับการแก้ปัญหาการหาค่าสูงสุดของฟังก์ชันแบบหนึ่งตัวแปร ซึ่งจัดว่าเป็นปัญหาการหาค่าที่เหมาะสมที่สุด โดยแสดงรายละเอียดในแต่ละขั้นตอนของวิธีเชิงพันธุกรรม ซึ่งจากขั้นตอนต่าง ๆ ของวิธีเชิงพันธุกรรมแสดงให้เห็นว่าสามารถที่จะพัฒนาหาค่าของคำตอบจนกระทั่งพบคำตอบที่ดีที่สุดได้ วิธีนี้จึงเป็นทางเลือกหนึ่งในการนำไปใช้กับปัญหาการหาค่าที่เหมาะสมที่สุด

Abstract

Genetic Algorithm (GA) is the optimum search method that used principle of natural selection of biology by simulating of genetic evolution. There are five steps in the method: initial population, genetic operators, fitness computation, selection and termination condition. The important steps of GA are selection step which will select appropriate chromosomes to be population to the next generation and genetic operators that is composed of crossover operator and mutation operator. In this research, GA was presented and applied to the function problem with one variable which was the optimisation problem. The detail of each step of GA was described. From all step of GA, it was shown that GA process could develop the initial solutions to be the best solutions. Therefore, GA another one choice for applying to optimisation problems.

คำสำคัญ : วิธีเชิงพันธุกรรม การหาค่าที่เหมาะสมที่สุด

Keywords : Genetic Algorithm, Optimisation

* ผู้นิพนธ์ประสานงานไปรษณีย์อิเล็กทรอนิกส์ aphirak@rmutl.ac.th โทร. 055-541-458

1. บทนำ

ปัญหาการหาค่าที่เหมาะสมที่สุดสามารถพบได้จากหลายสาขาวิชา ไม่ว่าจะเป็นปัญหาทางด้านวิศวกรรมศาสตร์ หรือปัญหาการวางแผนการทางธุรกิจ เช่น การออกแบบชิ้นส่วนทางกลเพื่อให้ชิ้นส่วนมีประสิทธิภาพ ต้องออกแบบให้มีน้ำหนักน้อยที่สุดในขณะที่ความแข็งแรงสูง หรือการวางแผนการผลิตเพื่อให้องค์กรมีกำไรสูงสุดโดยการลดต้นทุนให้ต่ำที่สุด เป็นต้น ในปัจจุบันปัญหาเหล่านี้มีความซับซ้อนและมีขนาดใหญ่มากขึ้น ดังนั้น วิธีการหาค่าที่เหมาะสมที่สุดจึงมีความจำเป็นที่จะต้องนำมาใช้เพื่อแก้ปัญหาให้ได้คำตอบที่เหมาะสมที่สุด

วิธีการหาค่าที่เหมาะสมที่สุดนั้นถูกแบ่งออกเป็นสองกลุ่ม คือ วิธีการแบบดั้งเดิม (Conventional optimisation algorithms) โดยใช้วิธีการทางคณิตศาสตร์ซึ่งจะให้ค่าผลของคำตอบแบบแม่นยำ (Exact solution) และกลุ่มวิธีการหาค่าคำตอบที่ดีที่สุดในแบบประมาณค่า (Approximation optimisation algorithms) ในการหาค่าคำตอบของทั้งสองกลุ่มวิธีนั้น สำหรับปัญหาที่มีขนาดใหญ่และมีความซับซ้อนวิธีการหาค่าคำตอบแบบดั้งเดิมอาจจะไม่สามารถหาค่าคำตอบได้ หรือสามารถหาค่าคำตอบได้ แต่ใช้ระยะเวลายาวนานในการหาค่าคำตอบ ส่วนในวิธีการหาค่าคำตอบแบบประมาณค่าจะใช้ระยะเวลาในการประมวลผลสั้นกว่าโดยให้คำตอบที่ใกล้เคียงกับคำตอบที่ดีที่สุด ดังนั้น ในปัจจุบันวิธีการหาค่าคำตอบแบบประมาณค่าจึงได้รับความนิยมมากขึ้น

เมื่อไม่กี่สิบปีที่ผ่านมา วิธีการแบบประมาณค่าได้ถูกพัฒนาขึ้นหลายวิธี ซึ่งวิธีการเหล่านี้ถูกจัดให้อยู่ในประเภทวิธีการหาค่าที่เหมาะสมที่สุด

แบบสมัยใหม่ โดยวิธีการส่วนใหญ่ในกลุ่มนี้จะเลียนแบบพฤติกรรมทางธรรมชาติ เช่น วิธีการจำลอง การอบอ่อนโลหะ (Simulated Annealing: SA) (Yang, 2008) วิธีการอาณานิคม (Ant Colony Optimisation: ACO) (Dorigo & Stutzle, 2004) วิธีการกลุ่มอนุภาค (Particle Swarm Optimisation: PSO) (Kennedy & Eberhart, 2001) และวิธีเชิงพันธุกรรม (Genetic Algorithm: GA) (Gen et al., 2008) เป็นต้น ในกลุ่มของวิธีการประมาณค่านี้ GA นับได้ว่าเป็นวิธีการแรก ๆ ที่ถูกพัฒนาขึ้นเพื่อใช้กับปัญหาการหาค่าคำตอบที่เหมาะสมที่สุด ซึ่งได้รับความสนใจจากนักวิจัยและใช้กันอย่างแพร่หลายมาจนถึงปัจจุบัน ดังนั้น จึงควรศึกษาหลักการของ GA และการประยุกต์ใช้เพื่อเป็นพื้นฐานในการทำความเข้าใจและพัฒนาวิธีการในกลุ่มนี้ต่อไป

2. วิธีการศึกษา

วิธีเชิงพันธุกรรมมีลักษณะการทำงานเลียนแบบกระบวนการวิวัฒนาการทางธรรมชาติ โดยอิงหลักการคัดเลือกตามธรรมชาติของดาร์วิน (Darwin's theory of natural selection) ซึ่งแนวคิดดังกล่าวนี้ ถูกนำมาประยุกต์ใช้เป็นวิธีการแก้ปัญหาโดย John Holland ในปี ค.ศ. 1975 และได้ใช้ชื่อว่า “วิธีเชิงพันธุกรรม (Genetic algorithm)” แต่วิธีนี้ยังไม่เป็นที่นิยมเท่าใดนัก เพราะในขณะนั้น GA ยังคงเป็นแนวคิดที่ใหม่ แต่หลังจากที่ David Goldberg ได้ตีพิมพ์หนังสือที่อธิบายรายละเอียดต่าง ๆ ของ GA ตลอดจนวิธีการนำไปประยุกต์ใช้ ซึ่งเป็นส่วนทำให้คนทั่วไปได้รู้จัก และเข้าใจถึงวิธีการแก้ปัญหาที่อาศัยหลักการทางพันธุกรรมมากยิ่งขึ้น จนกระทั่งในที่สุด GA จึงกลายเป็นที่นิยมของบรรดานักวิจัยอย่าง

แพร่หลายในเวลาต่อมา

2.1 หลักการทางพันธุกรรมเบื้องต้น

หลักการทำงานของ GA จะมีวิธีการหาคำคำตอบที่ต้องการ โดยอาศัยรูปแบบกลไกการคัดเลือกพันธุกรรมจากธรรมชาติซึ่งสามารถอยู่รอดและถูกถ่ายทอดไปยังรุ่นต่อ ๆ ไปได้ จุดเด่นของ GA จะต่างจากวิธีการอื่น คือ GA จะเก็บผลเฉลยเป็นเซตในขณะทีวิธีการอื่นจะเป็นการเก็บและเปลี่ยนแปลงทีละผลเฉลย (Goldberg, 1989) ในปัจจุบัน GA ได้รับการพัฒนามาอย่างต่อเนื่อง จึงทำให้มีลักษณะที่แตกต่างกันออกไปตามงานวิจัยและแนวทางการพัฒนาของนักวิจัยนั้น ๆ ซึ่งโดยทั่วไปจะมีโครงสร้างมาจาก GA ตัวต้นแบบที่เรียกว่า “วิธีเชิงพันธุกรรมอย่างง่าย (Simple Genetic Algorithms: SGA)” โครงสร้างของ SGA สามารถแสดงได้ดังรูปที่ 1

ขั้นตอนของ SGA จากรูปที่ 1 สามารถสรุปได้เป็น 5 ขั้นตอน คือ ขั้นตอนที่ 1 การเข้ารหัสโครโมโซม (Chromosome encoding) ขั้นตอนที่ 2 กระบวนการทางพันธุกรรม (Genetic operation) ขั้นตอนที่ 3 การคำนวณค่าความเหมาะสม (Fitness computation) ขั้นตอนที่ 4 การคัดเลือก (Selection) และขั้นตอนที่ 5 การ

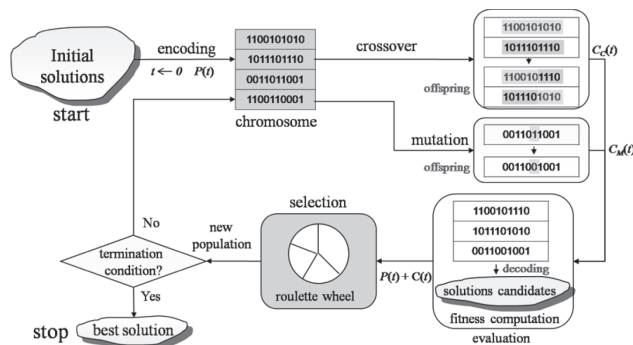
ตรวจสอบเงื่อนไขสิ้นสุดการทำงาน (Termination condition) ซึ่งสามารถอธิบายแต่ละขั้นตอนได้ดังนี้

2.1.1 ขั้นตอนการสร้างโครโมโซม

เริ่มต้นโดยการสุ่มค่าคำตอบซึ่งเป็นคำตอบที่อยู่ในขอบเขตของคำตอบ (Solution space) ขึ้นมาตามจำนวนของประชากรที่กำหนดไว้แล้วทำการเข้ารหัส (Encoding) คำคำตอบให้เป็น “โครโมโซม (Chromosome)” ซึ่งโครโมโซมแต่ละตัวจะประกอบไปด้วยยีนเรียงต่อกัน โดยรูปแบบการเข้ารหัสของโครโมโซมเป็นเลขฐานสอง (Binary bit string) และเรียกกลุ่มของโครโมโซมเหล่านี้ว่า “ประชากร (Population)” รูปแบบโครโมโซมแสดงดังรูปที่ 2

2.1.2 ขั้นตอนกระบวนการทางพันธุกรรม

กระบวนการทางพันธุกรรมนั้น ประกอบด้วย 2 กระบวนการ คือ การสลับสายพันธุ (Crossover) และการกลายพันธุ์ (Mutation) โดยการสลับสายพันธุ นั้น จะทำการสุ่มโครโมโซมจากประชากรมาสองโครโมโซม และทำการแลกเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม ซึ่งจะทำให้เกิดการแลกเปลี่ยนยีนในโครโมโซม



รูปที่ 1 โครงสร้างทั่วไปของวิธีเชิงพันธุกรรมอย่างง่าย (Gen et al., 2008)

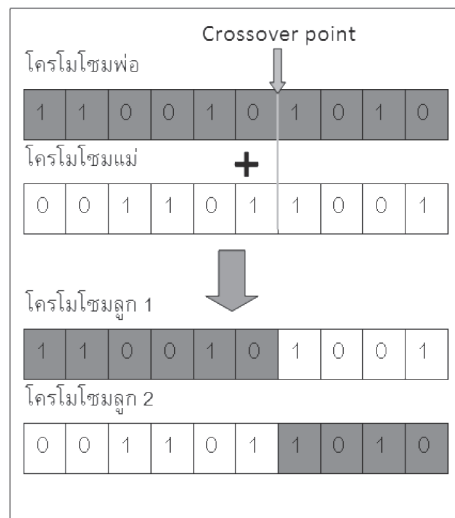
1	1	0	0	1	0	1	0	1	0
---	---	---	---	---	---	---	---	---	---

รูปที่ 2 โครโมโซมแบบเลขฐานสอง

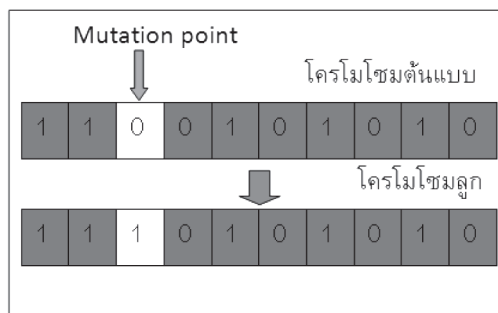
สำหรับวิธีการในการแลกเปลี่ยนยีนนั้นวิธีการที่ง่ายที่สุด คือ การสลับสายพันธุ์แบบจุดเดียว (One point crossover) ซึ่งจะใช้วิธีการสุ่มจุดที่จะทำการแลกเปลี่ยนยีน ดังแสดงในรูปที่ 3

ส่วนกระบวนการกลายพันธุ์นั้นจะสุ่มโครโมโซมมาหนึ่งค่า แล้วทำการสุ่มเปลี่ยนค่าของยีน ซึ่งจะทำให้เกิดโครโมโซมใหม่อีกหนึ่งโครโมโซม โดยการกลายพันธุ์ที่แสดงในรูปที่ 4 นั้นเป็นการกลายพันธุ์แบบจุดเดียว (One point mutation) และโครโมโซมใหม่ที่เกิดขึ้นจะเรียกว่า “โครโมโซมลูก (Offspring)”

ในแต่ละรอบของกระบวนการ GA นั้น มีตัวแปรสองตัวที่ใช้ในการตัดสินใจแต่ละรอบจะเกิดการสลับสายพันธุ์ หรือการกลายพันธุ์หรือไม่ คือ ความน่าจะเป็นในการสลับสายพันธุ์ (Probabilities of crossover: P_c) ซึ่งควรจะกำหนดให้อยู่ระหว่าง 0.7 ถึง 1.0 (Yang, 2008) และความน่าจะเป็นในการกลายพันธุ์ (Probabilities of mutation: P_m) ซึ่งควรจะกำหนดให้อยู่ระหว่าง 0.02-0.18 (Pongcharoen et al., 2002) โดยความน่าจะเป็นทั้งสองตัวนี้จะมีผลต่อค่าคำตอบ ดังนั้น จึงควรกำหนดค่าให้เหมาะสมกับแต่ละปัญหา



รูปที่ 3 การสลับสายพันธุ์แบบจุดเดียว



รูปที่ 4 การกลายพันธุ์แบบจุดเดียว

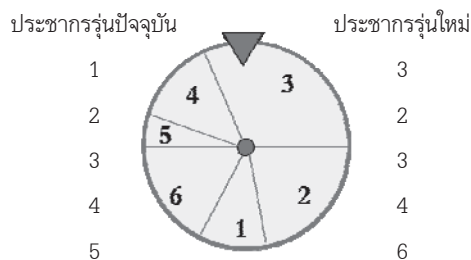
2.1.3 ขั้นตอนการคำนวณค่าความเหมาะสม

เมื่อผ่านกระบวนการทางพันธุกรรมแล้วโครโมโซมทั้งหมดจะถูกประเมินค่าความเหมาะสม (Fitness value) ของโอกาสในการอยู่รอดของแต่ละโครโมโซม (Probability of selection) ซึ่งปกติแล้วจะใช้สมการเป้าหมายเป็นตัววัดค่าความน่าจะเป็นในการอยู่รอดของโครโมโซม โดยค่าความเหมาะสมหาได้จากสมการที่ (1)

$$fitness(i) = \frac{f(x_i)}{\sum_{i=1}^n f(x_i)} \quad i = 1, 2, 3, \dots, n \quad (1)$$

2.1.4 ขั้นตอนการคัดเลือก

กลไกการคัดเลือกของ GA นั้นจะพิจารณาจากค่าความเหมาะสมในการยู่รอด ถ้าโครโมโซมใดมีค่าความเหมาะสมในการยู่รอดสูง โอกาสที่จะถูกเลือกให้เป็นประชากรในรุ่นถัดไป จะมีโอกาสรอดสูงตามไปด้วย ในทางตรงข้าม ถ้าค่าความเหมาะสมในการยู่รอดต่ำมาก โครโมโซมนั้นก็ไม่มีโอกาสยู่รอดเป็นประชากรในรุ่นถัดไป วิธีการในการคัดสรรโครโมโซมเพื่อเป็นประชากรในรุ่นใหม่นั้นมีอยู่หลายวิธี เช่น การคัดเลือกแบบแบ่งเป็นช่วง (Truncation selection) การคัดเลือกด้วยการสุ่มอย่างทั่วถึง (Stochastic universal sampling) การคัดเลือกแบบแข่งขัน (Tournament selection) และการคัดเลือกด้วยวงล้อเสี่ยงทาย (Roulette wheel selection) เป็นต้น สำหรับวิธีการคัดสรรที่กล่าวมานั้นการคัดสรรด้วยวงล้อเสี่ยงทายได้รับความนิยมมากที่สุด (Goldberg, 1989) รูปที่ 5 แสดงการแบ่งพื้นที่ในวงล้อเสี่ยงทายซึ่งจะถูกแบ่งโดยค่าความเหมาะสม และการเลือกประชากรรุ่นใหม่ จะเห็นได้ว่า โครโมโซมตัวที่ 3 ถูกเลือกถึงสองครั้ง ในขณะที่โครโมโซมตัวที่ 5 ไม่ถูกเลือกเลยเนื่องจากค่าความเหมาะสมในการยู่รอดมีค่าต่ำ



รูปที่ 5 การคัดเลือกด้วยวงล้อเสี่ยงทาย

2.1.5 ขั้นตอนตรวจสอบเงื่อนไขการสิ้นสุดการทำงาน

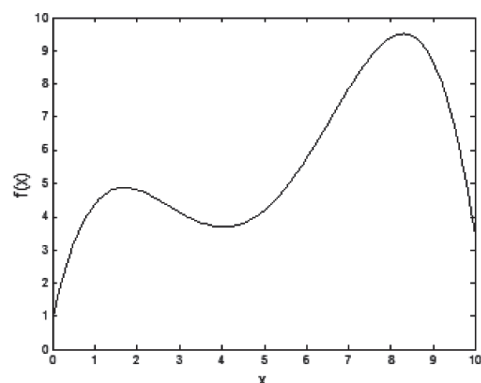
เงื่อนไขในการสิ้นสุดการทำงานนั้น GA จะสิ้นสุดการทำงานก็ต่อเมื่อได้ดำเนินการจนครบตามจำนวนรุ่นของประชากร (Number of generation) ตามที่ผู้ใช้กำหนด หรือผู้ใช้จะกำหนดให้สิ้นสุดการทำงานเมื่อค่าคำตอบในหลาย ๆ รอบที่ผ่านมาไม่มีการเปลี่ยนแปลง

2.2 การประยุกต์ใช้หลักการทฤษฎีการหา

ในส่วนนี้จะกล่าวถึงการประยุกต์หลักการทางพันธุกรรมกับปัญหาการหาค่าที่เหมาะสมที่สุด ซึ่งปัญหาในทางวิศวกรรมส่วนใหญ่นั้น คือ การหาค่าต่ำสุด หรือค่าสูงสุด โดยการแปลงรูปแบบของปัญหาให้อยู่ในรูปของแบบจำลองคณิตศาสตร์ (Mathematical model) ซึ่งอาจจะประกอบไปด้วยตัวแปรตั้งแต่หนึ่งตัวแปรจนถึงหลาย ๆ ตัวแปร แต่ในบทความนี้จะแสดงการประยุกต์ใช้สำหรับหนึ่งตัวแปร เพื่อง่ายต่อการทำความเข้าใจ

2.2.1 ปัญหาการหาค่าสูงสุด

ตัวอย่างการหาค่าสูงสุดนี้จะใช้ปัญหาการหาค่าสูงสุดแบบหนึ่งตัวแปร Todd Function (Khadwilard et al., 2010) ดังแสดงในรูปที่ 6 และสมการที่ (2)



รูปที่ 6 การพล็อตสมการเป้าหมาย

$$f(x) = 4 - \frac{(3 - \frac{x}{1.6})(0.5 - \frac{x}{1.6})(6.2 - \frac{x}{1.6})(2 - \frac{x}{1.6})}{6} \quad (2)$$

โดยช่วงในการหาค่าคำตอบอยู่ระหว่าง
 $0 < x < 10$

2.2.2 การสร้างประชากรเริ่มต้น

การสร้างประชากรเริ่มต้นจะสร้างตามจำนวนที่ผู้ใช้งานกำหนด ในที่นี้สมมติว่ากำหนดให้มีประชากร 10 และกำหนดประชากรให้อยู่ในรูปแบบเลขฐานสอง (Binary code) ซึ่งมีจำนวน 8 บิต ดังนั้น จะได้การเข้ารหัสดังที่แสดงด้านล่าง

$$\begin{aligned} v_1 &= [10110010] \\ v_2 &= [00110011] \\ v_3 &= [11010110] \\ v_4 &= [10011011] \\ v_5 &= [00000011] \\ v_6 &= [01100011] \\ v_7 &= [10110000] \\ v_8 &= [00111010] \\ v_9 &= [10100010] \\ v_{10} &= [11100011] \end{aligned}$$

หลังจากนั้นทำการเปลี่ยนเลขฐานสองให้เป็นเลขฐานสิบจะได้

$$\begin{aligned} v_1 &= [x] = [178] \\ v_2 &= [x] = [51] \\ v_3 &= [x] = [214] \\ v_4 &= [x] = [155] \\ v_5 &= [x] = [3] \\ v_6 &= [x] = [99] \\ v_7 &= [x] = [176] \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} v_8 &= [x] = [58] \\ v_9 &= [x] = [162] \\ v_{10} &= [x] = [227] \end{aligned}$$

กรณีเลขฐานสอง 8 บิต จะเห็นได้ว่าค่าที่น้อยที่สุดจะเกิดขึ้นเมื่อถูกสุ่มออกมาเป็น [00000000] โดยเมื่อเปลี่ยนให้เป็นเลขฐานสิบแล้วจะมีค่าเท่ากับ 0 และค่าสูงสุด คือ [11111111] ซึ่งเมื่อเปลี่ยนให้เป็นเลขฐานสิบแล้วจะมีค่าเท่ากับ 255 จากสมการปัญหาการหาค่าสูงสุดในสมการที่ (2) จะเห็นว่าค่าของตัวแปร x ถูกจำกัดไว้ในช่วงตั้งแต่ 0 ถึง 10 แต่จากการถอดรหัสค่าที่ได้มีค่าเกิน 10 ดังนั้น จึงต้องมีการปรับค่าให้อยู่ในช่วงที่ถูกกำหนดไว้ ซึ่งสามารถปรับได้จากสมการที่ (3)

$$x' = \frac{x}{255} \times 10 \quad (3)$$

เมื่อปรับค่าแล้วจะได้ค่าของตัวแปรดังต่อไปนี้

$$\begin{aligned} v'_1 &= [x'] = [6.98039] \\ v'_2 &= [x'] = [2.00000] \\ v'_3 &= [x'] = [8.39215] \\ v'_4 &= [x'] = [6.07843] \\ v'_5 &= [x'] = [0.11764] \\ v'_6 &= [x'] = [3.88235] \\ v'_7 &= [x'] = [6.90196] \\ v'_8 &= [x'] = [2.27450] \\ v'_9 &= [x'] = [6.35294] \\ v'_{10} &= [x'] = [8.90196] \end{aligned}$$

2.2.3 การประเมินค่า

การประเมินค่าจะดำเนินการโดยนำค่าของตัวแปรที่ได้แทนในสมการเป้าหมาย สมการที่ (2) ซึ่งจะได้ค่า ดังนี้

$$eval(v'_1) = f(6.98039) = 7.8084$$

$$eval(v'_2) = f(2.00000) = 4.8121$$

$$eval(v'_3) = f(8.39215) = 9.5019$$

$$eval(v'_4) = f(6.07843) = 5.8976$$

$$eval(v'_5) = f(0.11764) = 1.5449$$

$$eval(v'_6) = f(3.88235) = 3.7037$$

$$eval(v'_7) = f(6.90196) = 7.6443$$

$$eval(v'_8) = f(2.27450) = 4.6701$$

$$eval(v'_9) = f(6.35294) = 6.4665$$

$$eval(v'_{10}) = f(8.90196) = 8.9061$$

จากการประเมินค่าจะเห็นได้ว่า โครโมโซม v_3 ให้ค่าคำตอบที่ดีที่สุด ในขณะที่ โครโมโซม v_5 ให้ค่าคำตอบที่มีความเหมาะสมน้อยที่สุด

2.2.4 การคำนวณค่าความเหมาะสม

การคำนวณหาค่าความเหมาะสมของแต่ละโครโมโซมสามารถคำนวณได้จากสมการที่ (1) ซึ่งแสดงดังต่อไปนี้

หาผลรวมของฟังก์ชันเป้าหมาย

$$\begin{aligned}\sum f(x) &= 7.8084 + 4.8121 + 9.5019 + 5.8976 \\ &\quad + 1.5449 + 3.7037 + 7.6443 + 4.6701 \\ &\quad + 6.4665 + 8.9061 \\ &= 60.9556\end{aligned}$$

หาค่าความเหมาะสมของแต่ละโครโมโซม

$$fitness(v_1) = \frac{7.8084}{60.9556} = 0.128099$$

$$fitness(v_2) = \frac{4.8121}{60.9556} = 0.078944$$

$$fitness(v_3) = \frac{9.5019}{60.9556} = 0.155882$$

$$fitness(v_4) = \frac{5.8976}{60.9556} = 0.096752$$

$$fitness(v_5) = \frac{1.5449}{60.9556} = 0.025344$$

$$fitness(v_6) = \frac{3.7037}{60.9556} = 0.060760$$

$$fitness(v_7) = \frac{7.6443}{60.9556} = 0.125407$$

$$fitness(v_8) = \frac{4.6701}{60.9556} = 0.076614$$

$$fitness(v_9) = \frac{6.4665}{60.9556} = 0.106085$$

$$fitness(v_{10}) = \frac{8.9061}{60.9556} = 0.146107$$

2.2.5 การคัดเลือก

ในขั้นตอนการคัดเลือกนั้นจะใช้หลักการของวงล้อเสี่ยงทาย โดยการนำค่าความเหมาะสมของแต่ละโครโมโซม ซึ่งเปรียบได้กับความน่าจะเป็นในการที่จะถูกเลือกมาทำการสะสมความถี่ซึ่งจะได้ดังต่อไปนี้

$$q_1 = 0.128099 \quad q_2 = 0.207043$$

$$q_3 = 0.362925 \quad q_4 = 0.459677$$

$$q_5 = 0.485021 \quad q_6 = 0.545781$$

$$q_7 = 0.671188 \quad q_8 = 0.747802$$

$$q_9 = 0.853887 \quad q_{10} = 1.000000$$

จากนั้นต้องทำการหมุนวงล้อเสี่ยงทาย 10 ครั้ง เพื่อทำการคัดเลือกให้เป็นประชากรชุดใหม่ในรอบถัดไป ในที่นี้จะใช้การสุ่มค่า 10 ค่าในช่วง $[0, 1]$ สมมติว่าสุ่มได้ค่า ดังต่อไปนี้

- | | |
|--------------|---------------|
| (1) 0.301431 | (2) 0.322062 |
| (3) 0.766503 | (4) 0.881893 |
| (5) 0.350871 | (6) 0.583392 |
| (7) 0.177618 | (8) 0.343242 |
| (9) 0.032685 | (10) 0.197577 |

การสุ่มค่าที่ 1 ซึ่งมีค่าเท่ากับ 0.301431 นั้นมีค่ามากกว่าค่า q_2 แต่มีค่าน้อยกว่าค่า q_3 หมายความว่า โครโมโซม v_3 ถูกเลือกเพื่อเป็นประชากรใหม่ ค่าสุ่มที่ 2 มีค่าเท่ากับ 0.322062 ซึ่งมีค่ามากกว่าค่า q_2 แต่มีค่าน้อยกว่าค่า q_3 หมายความว่า โครโมโซม v_3 ถูกเลือกอีกครั้งจะเห็นว่าโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมสูงจะถูกเลือกได้มากกว่าหนึ่งครั้ง จากค่าสุ่มทั้งหมดจะได้ประชากรใหม่ ดังนี้

$$\begin{aligned}
 v_{1new} &= [1 \ 1 \ 0 \ 1 \ 0 \ 1 \ 1 \ 0] \ (v_3) \\
 v_{2new} &= [1 \ 1 \ 0 \ 1 \ 0 \ 1 \ 1 \ 0] \ (v_3) \\
 v_{3new} &= [1 \ 0 \ 1 \ 0 \ 0 \ 0 \ 1 \ 0] \ (v_9) \\
 v_{4new} &= [1 \ 1 \ 1 \ 0 \ 0 \ 0 \ 1 \ 1] \ (v_{10}) \\
 v_{5new} &= [1 \ 1 \ 0 \ 1 \ 0 \ 1 \ 1 \ 0] \ (v_3) \\
 v_{6new} &= [1 \ 0 \ 1 \ 1 \ 0 \ 0 \ 0 \ 0] \ (v_7) \\
 v_{7new} &= [0 \ 0 \ 1 \ 1 \ 0 \ 0 \ 1 \ 1] \ (v_2) \\
 v_{8new} &= [1 \ 1 \ 0 \ 1 \ 0 \ 1 \ 1 \ 0] \ (v_3) \\
 v_{9new} &= [1 \ 0 \ 1 \ 1 \ 0 \ 0 \ 1 \ 0] \ (v_1) \\
 v_{10new} &= [0 \ 0 \ 1 \ 1 \ 0 \ 0 \ 1 \ 1] \ (v_2)
 \end{aligned}$$

2.2.6 การสลับสายพันธุ์

กระบวนการในการสลับสายพันธุ์นั้นจะเกิดขึ้นก็ต่อเมื่อค่าการสุ่มในการสลับสายพันธุ์มีค่า

น้อยกว่าค่าความน่าจะเป็นในการสลับสายพันธุ์ (P_c) เช่น กำหนดค่าความน่าจะเป็นในการสลับสายพันธุ์ไว้เท่ากับ 0.8 ถ้าค่าสุ่มในการสลับสายพันธุ์สุ่มได้ 0.753 จะเกิดการสลับสายพันธุ์ขึ้น แต่ถ้าค่าสุ่มมีค่ามากกว่า 0.8 จะไม่เกิดการสลับสายพันธุ์

สมมติว่าค่าสุ่มสุ่มได้น้อยกว่าค่าความน่าจะเป็นในการสลับสายพันธุ์ การสลับสายพันธุ์จะเกิดขึ้นโดยการสุ่มเลือกโครโมโซมมาสองค่า โดยอาจจะสุ่มได้โครโมโซม v_{5new} และ v_{9new} จากนั้นจะทำการสลับสายพันธุ์โดยใช้การสลับสายพันธุ์แบบหนึ่งจุด ซึ่งในการสลับสายพันธุ์แบบหนึ่งจุดนั้นต้องทำการสุ่มค่าเป็นเลขจำนวนเต็มที่อยู่ในช่วง 1 ถึง 7 เนื่องจากโครโมโซมมีความยาว 8 บิต สมมติค่าสุ่มสุ่มได้ค่า 5 จะเกิดการสลับสายพันธุ์ดังต่อไปนี้

$$\begin{aligned}
 v_{5new} &= [1 \ 1 \ 0 \ 1 \ 0 \ 1 \ 1 \ 0] \\
 v_{9new} &= [1 \ 0 \ 1 \ 1 \ 0 \ 0 \ 1 \ 0] \\
 &\quad \downarrow \\
 \text{Offspring 1} &= [1 \ 1 \ 0 \ 1 \ 0 \ 0 \ 1 \ 0] \\
 \text{Offspring 2} &= [1 \ 0 \ 1 \ 1 \ 0 \ 1 \ 1 \ 0]
 \end{aligned}$$

หลังจากทำการสลับสายพันธุ์แล้วโครโมโซมใหม่ที่ได้จะเข้าไปแทนที่โครโมโซมเดิมที่ถูกสุ่มออกมา ดังนั้น ประชากรใหม่ที่ได้จะมีค่า ดังต่อไปนี้

$$\begin{aligned}
 v_{1new} &= [1 \ 1 \ 0 \ 1 \ 0 \ 1 \ 1 \ 0] \\
 v_{2new} &= [1 \ 1 \ 0 \ 1 \ 0 \ 1 \ 1 \ 0] \\
 v_{3new} &= [1 \ 0 \ 1 \ 0 \ 0 \ 0 \ 1 \ 0] \\
 v_{4new} &= [1 \ 1 \ 1 \ 0 \ 0 \ 0 \ 1 \ 1] \\
 v_{5new} &= [1 \ 1 \ 0 \ 1 \ 0 \ 0 \ 1 \ 0] \ (\text{offspring 1}) \\
 v_{6new} &= [1 \ 0 \ 1 \ 1 \ 0 \ 0 \ 0 \ 0]
 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
 v_{7new} &= [0 \ 0 \ 1 \ 1 \ 0 \ 0 \ 1 \ 1] \\
 v_{8new} &= [1 \ 1 \ 0 \ 1 \ 0 \ 1 \ 1 \ 0] \\
 v_{9new} &= [1 \ 0 \ 1 \ 1 \ 0 \ 1 \ 1 \ 0] \text{ (Offspring 2)} \\
 v_{10new} &= [0 \ 0 \ 1 \ 1 \ 0 \ 0 \ 1 \ 1]
 \end{aligned}$$

ในกระบวนการสลับสายพันธุ์นี้จะทำการวนรอบตามจำนวนประชากร ดังนั้น ในกรณีนี้จะทำการวนรอบเป็นจำนวน 10 รอบ และทำการสุ่มค่าในการสลับสายพันธุ์ทุกรอบเพื่อจะเป็นตัวชี้ว่าต้องทำการสลับสายพันธุ์หรือไม่

2.2.7 การกลายพันธุ์

การกลายพันธุ์จะเกิดขึ้นก็ต่อเมื่อค่าการสุ่มในการกลายพันธุ์มีค่าน้อยกว่าค่าความน่าจะเป็นในการกลายพันธุ์ โดยปกติแล้วค่าความน่าจะเป็นในการกลายพันธุ์ (P_m) จะถูกกำหนดเป็นค่าน้อย ๆ เช่น 0.01 ดังนั้น ค่าสุ่มที่ได้จะต้องน้อยกว่า 0.01 จึงจะเกิดการกลายพันธุ์

การกลายพันธุ์จะดำเนินการโดยการสุ่มเลือกโครโมโซมมาหนึ่งโครโมโซม แล้วทำการสุ่มเลือกตำแหน่งที่จะกลายพันธุ์มาหนึ่งตำแหน่งซึ่งวิธีการนี้จะเป็นการกลายพันธุ์แบบหนึ่งตำแหน่ง เช่น สุ่มได้โครโมโซม v_{8new} และสุ่มได้ตำแหน่งในการกลายพันธุ์ที่ตำแหน่ง 3 สามารถแสดงการกลายพันธุ์ได้ ดังต่อไปนี้

$$\begin{aligned}
 &\downarrow \\
 v_{8new} &= [1 \ 1 \ 0 \ 1 \ 0 \ 1 \ 1 \ 0] \\
 &\Downarrow \\
 \text{Offspring} &= [1 \ 1 \ 1 \ 1 \ 0 \ 1 \ 1 \ 0]
 \end{aligned}$$

กระบวนการวนรอบของการกลายพันธุ์นั้น จะมีการวนรอบเท่ากับการสลับสายพันธุ์ คือ จำนวน 10 รอบซึ่งมีค่าเท่ากับจำนวนประชากร

และมีการสุ่มค่าสุ่มการกลายพันธุ์ในทุกรอบเพื่อจะเป็นตัวชี้ว่าต้องดำเนินการกลายพันธุ์หรือไม่

2.2.8 การตรวจสอบเงื่อนไขหยุดการทำงาน

กระบวนการของ GA นั้นจะทำการวนรอบผ่านขั้นตอนต่าง ๆ จนกระทั่งพบกับเงื่อนไขในการจบการทำงาน ซึ่งอาจจะกำหนดรอบการทำงาน โดยกำหนดตามความต้องการของผู้ใช้งาน หรือ กำหนดโดยพิจารณาจากผลของค่าคำตอบ เช่น ถ้าค่าของคำตอบซ้ำกันมากกว่า 50 รอบให้หยุดการทำงาน เป็นต้น สำหรับค่าของคำตอบที่ดีที่สุดของสมการที่ (2) นั้น ความละเอียดของคำตอบที่ได้จากการใช้เลขฐานสองจำนวน 8 บิตนั้น จะได้ค่าตัวแปร x เท่ากับ 8.3137 โดยที่ได้ค่า $f(x)$ สูงสุดเท่ากับ 9.5150 ซึ่งได้จากโครโมโซม $[1 \ 1 \ 0 \ 1 \ 0 \ 1 \ 0 \ 0]$ ถ้าต้องการให้ค่าคำตอบมีความละเอียดมากขึ้นต้องใช้จำนวนบิตมากขึ้นตามไปด้วย

3. ผลการศึกษา

จากการพิจารณาวิธีทางพันธุกรรมนั้นจะเห็นได้ว่ากระบวนการในการหาค่าคำตอบนั้นจะอยู่บนพื้นฐานของการสุ่มและความน่าจะเป็น โดยเริ่มต้นจากการสุ่มค่าประชากรของโครโมโซมเริ่มต้น หลังจากนั้นจะทำการพัฒนาโครโมโซมโดยการสุ่มเลือกโครโมโซมจากประชากรเริ่มต้น ซึ่งการพัฒนาโครโมโซมนั้นจะมีสองขั้นตอน คือ กระบวนการสลับสายพันธุ์ และกระบวนการกลายพันธุ์ โดยทั้งสองขั้นตอนนี้จะเกิดขึ้นหรือไม่ขึ้นอยู่กับที่กำหนดความน่าจะเป็นในการสลับสายพันธุ์ และความน่าจะเป็นในการกลายพันธุ์ตามลำดับ กลไกที่สำคัญอีกตัวหนึ่ง คือ การคัด

เลือกซึ่งจะใช้ค่าความน่าจะเป็นในการอยู่รอดเป็นตัวกำหนดค่าความแข็งแกร่งของโครโมโซม ดังนั้น ถ้าโครโมโซมตัวใดมีค่าความน่าจะเป็นในการอยู่รอดสูงก็จะมีโอกาสที่จะเป็นประชากรใหม่ในรุ่นถัดไปได้มากกว่าหนึ่งตัว ดังนั้น จะเห็นว่าคำตอบที่ดีจะมีโอกาสพัฒนาต่อไป ในขณะที่คำตอบที่ไม่ดีจะโดนกำจัดทิ้ง จากขั้นตอนที่กล่าวมาทั้งหมดจะเห็นได้ว่าวิธีทางพันธุกรรมนั้นจะเป็นกระบวนการที่เลียนแบบวิธีการทางธรรมชาติโดยผ่านการสุ่มและความน่าจะเป็นเป็นหลัก ดังนั้น ค่าคำตอบที่ได้จึงไม่รับรองว่าดีที่สุด แต่สามารถบอกได้ว่าอยู่ใกล้ค่าที่ดีที่สุด ค่าของคำตอบที่ได้จะมีคุณภาพมากขึ้นเพียงใดนั้นขึ้นอยู่กับข้อกำหนดตัวแปรในแต่ละขั้นตอนซึ่งสามารถสรุปได้ ดังนี้

1. การกำหนดขนาดของประชากรควรมีการกำหนดให้เหมาะสมกับขนาดของปัญหา

2. ในกระบวนการดำเนินการทางพันธุกรรม ควรมีการกำหนดค่าความน่าจะเป็นในการสลับสายพันธุ์ (P_c) และค่าความน่าจะเป็นในการกลายพันธุ์ (P_m) ให้เหมาะสม โดยควรกำหนดค่า P_c ให้มีค่าสูงเพื่อให้เกิดการพัฒนาในกลุ่มของประชากรเป็นการรักษาเผ่าพันธุ์ที่ดีไว้ ในขณะที่ค่า P_m ควรมีค่าต่ำเพื่อให้เกิดการกลายพันธุ์น้อย ๆ เป็นการช่วยให้ค่าคำตอบเข้าสู่เป้าหมายได้เร็วขึ้น

3. การกำหนดรอบในการจบการทำงานมีความสำคัญต่อค่าคำตอบ และเวลาการประมวลผล ถ้ากำหนดจำนวนรอบในการจบการทำงานไว้ต่ำอาจจะได้ค่าคำตอบที่ไม่ดีนัก แต่ถ้ากำหนดรอบในการจบการทำงานสูงจะมีผลทำให้ต้องใช้ระยะเวลาในการประมวลผลนาน ดังนั้น ในการกำหนดรอบในการจบการทำงานจึงควรพิจารณาจากขนาด

และความซับซ้อนของปัญหา

จากที่กล่าวมาจะเห็นได้ว่าการกำหนดตัวแปรวิธีเชิงพันธุกรรมจะมีผลต่อคุณภาพของคำตอบ ดังนั้น จึงควรกำหนดตัวแปรทุกตัวให้สอดคล้องกันเพื่อให้ได้ค่าของคำตอบที่ดีที่สุด

4. สรุป

ในบทความฉบับนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม และการประยุกต์ใช้ในการแก้ปัญหาการหาค่าที่เหมาะสมที่สุด โดยได้ทำการศึกษาขั้นตอนการทำงานของกระบวนการทางพันธุกรรม ซึ่งมีขั้นตอนที่สรุปได้ 5 ขั้นตอน คือ ขั้นตอนการสร้างประชากรเริ่มต้น ขั้นตอนกระบวนการทางพันธุกรรม ขั้นตอนการคำนวณค่าความเหมาะสม ขั้นตอนการคัดเลือก และขั้นตอนการตรวจสอบเงื่อนไขหยุดการทำงาน โดยหลักการที่สำคัญของวิธีเชิงพันธุกรรม คือ การพัฒนาค่าของคำตอบ และการรักษาค่าคำตอบที่ดีไว้ สำหรับขั้นตอนการพัฒนาค่าคำตอบนั้นจะอยู่ในขั้นตอนกระบวนการทางพันธุกรรม โดยจะประกอบไปด้วยตัวกระทำสองตัวกระทำ คือ ตัวกระทำการสลับสายพันธุ์ ซึ่งจะทำให้พัฒนาค่าคำตอบโดยอาศัยข้อมูลจากกลุ่มของประชากร และตัวกระทำการกลายพันธุ์ จะใช้หลักการสุ่มเปลี่ยนค่า ส่วนการรักษาค่าคำตอบที่ดีไว้ คือ ขั้นตอนการคัดเลือกโดยจะทำการคัดเลือกค่าคำตอบที่ดีไว้และกำจัดค่าคำตอบที่ไม่ดีออกไปในการศึกษาครั้งนี้ได้ทำการประยุกต์วิธีเชิงพันธุกรรมกับฟังก์ชันหนึ่งตัวแปรซึ่งจากการศึกษาพบว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมมีความง่ายต่อการประยุกต์ใช้ และสามารถหาค่าคำตอบที่เหมาะสมที่สุดได้ ดังนั้น วิธีทางพันธุกรรมจึงเป็นทาง

เลือกหนึ่งในการนำไปใช้เพื่อแก้ปัญหาการหาค่าที่เหมาะสมที่สุด

5. เอกสารอ้างอิง

- Dorigo, M. and Stutzle, T. 2004. **Ant Colony Optimization**. England. A Bradford Book, the MIT Press.
- Gen, M., Cheng, R., and Lin, L. 2008. **Network Models and Optimization**: Springer, Verlag London Limited.
- Goldberg, D.E. 1989. **Genetic Algorithms in Search, Optimisation and Machine Learning**. Massachusetts, Addison-Wesley.
- Kennedy, J. and Eberhart, C.R. 2001. **Swarm Intelligence**. Morgan Kaufmann Publishers, San Francisco.
- Khadwilard, A., Luangpaiboon, P. and Pongcharoen, P. 2010. **Solving non-linear continuous mathematical models using harmony search algorithm**. Proceedings of the National Operations Research Conference 2010, 42-47.
- Pongcharoen, P., Hicks, C., Braiden, P.M., and Stewardson, D.J. 2002. **Determining optimum genetic algorithm parameters for scheduling the manufacturing and assembly of complex products**. International Journal of Production Economics, 78(3), 311-322.
- Yang, X.S. 2008. **Nature-Inspired Metaheuristic Algorithms**. United Kingdom, Luniver Press.